

Rec'd PCT/PTO 28 FEB 2005

PCT/JP03/10727

26.08.03

日 本 国 特 許 庁
JAPAN PATENT OFFICE

REC'D 10 OCT 2003

WIPO PCT

別紙添付の書類に記載されている事項は下記の出願書類に記載されている事項と同一であることを証明する。

This is to certify that the annexed is a true copy of the following application as filed with this Office.

出 願 年 月 日
Date of Application: 2002年 8月30日

出 願 番 号
Application Number: 特願2002-254153
[ST. 10/C]: [JP2002-254153]

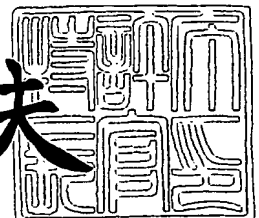
出 願 人
Applicant(s): タカラバイオ株式会社

PRIORITY DOCUMENT
SUBMITTED OR TRANSMITTED IN
COMPLIANCE WITH
RULE 17.1(a) OR (b)

2003年 9月26日

特許庁長官
Commissioner,
Japan Patent Office

今 井 康 夫



【書類名】 特許願

【整理番号】 T-1789

【提出日】 平成14年 8月30日

【あて先】 特許庁長官殿

【国際特許分類】 C12N 9/00
C12N 15/00

【発明者】

【住所又は居所】 滋賀県大津市瀬田三丁目 4 番 1 号 タカラバイオ株式会
社

【氏名】 外園 成和

【発明者】

【住所又は居所】 滋賀県大津市瀬田三丁目 4 番 1 号 タカラバイオ株式会
社

【氏名】 上森 隆司

【発明者】

【住所又は居所】 滋賀県大津市瀬田三丁目 4 番 1 号 タカラバイオ株式会
社

【氏名】 田中 哲基

【発明者】

【住所又は居所】 滋賀県大津市瀬田三丁目 4 番 1 号 タカラバイオ株式会
社

【氏名】 加藤 郁之進

【特許出願人】

【識別番号】 302019245

【氏名又は名称】 タカラバイオ株式会社

【代表者】 加藤 郁之進

【手数料の表示】

【予納台帳番号】 173212

【納付金額】 21,000円

【提出物件の目録】

【物件名】	明細書	1
【物件名】	要約書	1
【プルーフの要否】	要	

【書類名】 明細書

【発明の名称】 耐熱性リボヌクレアーゼH

【特許請求の範囲】

【請求項1】 下記の群より選択され、かつ、耐熱性リボヌクレアーゼH活性を有することを特徴とするポリペプチド：

- (a) 配列表の配列番号1に示されるアミノ酸配列又はその一部を有するポリペプチド；
- (b) 配列表の配列番号1に示されるアミノ酸配列において、少なくとも1つのアミノ酸残基の欠失、付加、挿入又は置換を有するポリペプチド；
- (c) 配列表の配列番号1に示されるアミノ酸配列と少なくとも54%の相同性を有するアミノ酸配列を有するポリペプチド。

【請求項2】 下記の群より選択され、かつ、耐熱性リボヌクレアーゼH活性を有するポリペプチドをコードする核酸：

- (a) 配列表の配列番号1に示されるアミノ酸配列又はその一部を有するポリペプチドをコードする核酸；
- (b) 配列表の配列番号1に示されるアミノ酸配列において、少なくとも1つのアミノ酸残基の欠失、付加、挿入又は置換を有するポリペプチドをコードする核酸；
- (c) 配列表の配列番号1に示されるアミノ酸配列と少なくとも54%の相同性を有するアミノ酸配列を有するポリペプチドをコードする核酸；
- (d) 配列表の配列番号2に示される塩基配列を有する核酸；
- (e) 配列表の配列番号2に示される塩基配列において、少なくとも1つの塩基がアミノ酸配列に翻訳される形での欠失、付加、挿入又は置換を有する塩基配列からなる核酸；
- (f) 前記(a)～(d)のいずれか記載の核酸又はその相補鎖とストリンジェントな条件下にハイブリダイズしうる核酸；
- (g) 配列表の配列番号2に示される塩基配列に少なくとも61%の相同性を有する塩基配列である核酸。

【請求項3】 請求項2記載の核酸を含んでなる組換えDNA。

【請求項4】 請求項3記載の組換えDNAにより形質転換されてなる形質転換体。

【請求項5】 請求項4記載の形質転換体を培養し、該培養物中より耐熱性リボヌクレアーゼH活性を有するポリペプチドを採取することを特徴とする耐熱性リボヌクレアーゼH活性を有するポリペプチドの製造方法。

【請求項6】 *Escherichia coli* HMS174/pApr108 (FERM P-18981として寄託) に保持されるプラスミドpApr108を導入した形質転換体を培養して得られる、耐熱性リボヌクレアーゼH活性を有するポリペプチド。

【発明の詳細な説明】

【0001】

【発明の属する技術分野】

本発明はポリペプチド、さらに詳しくは、遺伝子工学において利用価値の高いリボヌクレアーゼH活性を有するポリペプチドに関する。また、本発明は該ポリペプチドの遺伝子工学的生産に有用な遺伝子に関する。さらに、本発明は該ポリペプチドの遺伝子工学的な製造方法に関する。

【0002】

【従来の技術】

リボヌクレアーゼ (RNA分解酵素) にはエンド型とエキソ型が存在し、基質特異性も多様で、複雑な生理活性に関与している。リボヌクレアーゼ活性を有する酵素としては、リボヌクレアーゼT₁、リボヌクレアーゼT₂、リボヌクレアーゼH、リボヌクレアーゼP、リボヌクレアーゼI、リボヌクレアーゼII、リボヌクレアーゼIII、リボヌクレアーゼIV、リボヌクレアーゼL等の酵素が知られている。

【0003】

リボヌクレアーゼH (本明細書に於いては、RNase Hと称する場合もある) は1969年にW. H. ステイン及びP. ハウゼンにより仔ウシ胸腺から初めて単離された。現在、RNase Hは種々の動物細胞、酵母等の真核生物及び大腸菌等の原核生物に広く存在する細胞性RNase Hと、RNA腫瘍ウイルスに

存在するウイルス性RNase Hとに分けられている。1種の細胞に数種のRNase H活性が存在しており、 Mg^{2+} 、 Mn^{2+} 等の2価金属イオン要求性である。

【0004】

大腸菌由来RNase Hは155アミノ酸からなる分子量約17kDaの加水分解酵素であって、DNA/RNAハイブリッドのRNA鎖のみを特異的にエンド型で切断するという基質特異性を有する。生成したオリゴマーは5'末端にリン酸基を、3'末端に水酸基を有する。

【0005】

大腸菌由来RNase Hとしては、RNase HIとRNase HIIが同定されている。RNase HIの生理的機能として、ColE1プラスミドの複製において、1) 正常な複製開始点ではない箇所に結合したRNAを分解し、正常な複製開始点を確保する、2) 正常な複製開始点に特異的なRNAプライマーの合成をすることが示されている。しかしながら、RNase HIIの機能は未だ不明である。

【0006】

RNase Hは、その基質特異性に基づき、下記に例示される様な用途を有し、極めて利用価値の高い酵素として注目されている。

- 1) cDNAのクローニングの際の鋳型mRNAの除去。
- 2) mRNAのポリA領域の除去。
- 3) RNAの断片化。

【0007】

RNase Hの重要性は遺伝子工学の発展に伴ってますます増大すると思われるが、この酵素は、大腸菌内での発現量が極めて低いことから、組換えDNA技術による該酵素の生産が試みられており、既にBRL、アマシャム ファルマシア バイオテク及びタカラバイオ等から、組換えDNA技術により生産されたRNase Hが供給されている。

【0008】

これらの市販の組換えRNase Hは、大腸菌を宿主として生産されるもので

ある〔金谷ら、ザ ジャーナル オブ バイオロジカル ケミストリー (The Journal of Biological Chemistry)、第264巻、第11546-11549頁 (1989)〕。また、大腸菌由来RNase Hよりも極めて高い安定性を有する好熱菌由来RNase Hの大腸菌による製造法も報告されている〔金谷ら、第2回日本蛋白工学会年会プログラム・要旨集 (1990)、69頁；特許第2533671号公報〕が、大腸菌を用いて産生された好熱菌RNase Hの酵素活性は大腸菌由来RNase Hよりも低いものであった。

【0009】

上述のように耐熱性を有するRNase Hは大腸菌由来RNase Hよりも生産性及び酵素活性が低いものしかなく、RNase Hの用途拡大のため、大腸菌と同等もしくはそれ以上の生産性及び酵素活性を有する耐熱性RNase Hの開発が望まれていた。

【0010】

そこで、上記問題点を解決すべく、さまざまな耐熱性を有するRNase Hがクローン化されてきた。例えば、国際公開第02/22831号パンフレット記載のRNase Hが挙げられる。

【0011】

しかしながら、遺伝子工学の発展に伴ってますます増大すると思われるRNase Hの重要性に応えるため、さらなる耐熱性、基質特異性、作用機作を有するRNase Hの開発が望まれていた。

【0012】

【発明が解決しようとする課題】

本発明の目的は、遺伝子工学において利用価値の高いRNase H活性を有するポリペプチド、該ポリペプチドをコードする遺伝子ならびに該ポリペプチドの遺伝子工学的製造方法を提供することにある。

【0013】

【課題を解決するための手段】

本発明者らは、上記の事情を鑑み、耐熱性RNase Hを得るために鋭意研究及び探索を行った結果、高いRNase H活性を有する耐熱性RNase Hポリ

ペプチドを見出した。更に、得られた耐熱性 RNase H は遺伝子工学的手法による製造においても生産性がよいことも見出し、本発明を完成するに至った。

【0014】

本発明を概説すれば、本発明の第1の発明は、耐熱性リボヌクレアーゼ H ポリペプチドに関し、下記の群より選択され、かつ、耐熱性リボヌクレアーゼ H 活性を有することを特徴とするポリペプチドに関する。

(a) 配列表の配列番号 1 に示されるアミノ酸配列又はその一部を有するポリペプチド；

(b) 配列表の配列番号 1 に示されるアミノ酸配列において、少なくとも 1 つのアミノ酸残基の欠失、付加、挿入又は置換を有するポリペプチド；

(c) 配列表の配列番号 1 に示されるアミノ酸配列と少なくとも 54 % の相同性を有するアミノ酸配列を有するポリペプチド。

【0015】

本発明の第2の発明は、耐熱性リボヌクレアーゼ H をコードする核酸に関し、下記の群より選択され、かつ、耐熱性リボヌクレアーゼ H 活性を有するポリペプチドをコードする核酸に関する。

(a) 配列表の配列番号 1 に示されるアミノ酸配列又はその一部を有するポリペプチドをコードする核酸；

(b) 配列表の配列番号 1 に示されるアミノ酸配列において、少なくとも 1 つのアミノ酸残基の欠失、付加、挿入又は置換を有するポリペプチドをコードする核酸；

(c) 配列表の配列番号 1 に示されるアミノ酸配列と少なくとも 54 % の相同性を有するアミノ酸配列を有するポリペプチドをコードする核酸；

(d) 配列表の配列番号 2 に示される塩基配列を有する核酸；

(e) 配列表の配列番号 2 に示される塩基配列において、少なくとも 1 つの塩基がアミノ酸配列に翻訳される形での欠失、付加、挿入又は置換を有する塩基配列からなる核酸；

(f) 前記 (a) ~ (d) のいずれか記載の核酸又はその相補鎖とストリンジェントな条件下にハイブリダイズしうる核酸；

(g) 配列表の配列番号 2 に示される塩基配列に少なくとも 61% の相同性を有する塩基配列である核酸。

【0016】

本発明の第 3 の発明は組換え DNA に関し、第 2 の発明の核酸を含んでなることを特徴とする。

【0017】

本発明の第 4 の発明は形質転換体に関し、第 3 の発明の組換え DNA により形質転換されてなることを特徴とする。

【0018】

本発明の第 5 の発明は耐熱性リボヌクレアーゼ H 活性を有するポリペプチドの製造方法に関し、第 4 の発明の形質転換体を培養し、該培養物中より耐熱性リボヌクレアーゼ H 活性を有するポリペプチドを採取することを特徴とする。

【0019】

第 6 の発明はプラスミド pApr108 を導入した形質転換体を培養して得られる、耐熱性リボヌクレアーゼ H 活性を有するポリペプチドに関する。なお、このプラスミドを有する大腸菌株は、ブダペスト条約の下、FERM P-18981 の受託番号の下、独立行政法人産業技術総合研究所特許生物寄託センターに寄託されている。

【0020】

【発明の実施の形態】

以下、本発明に関して具体的に説明する。

本明細書において、RNase H とは、DNA/RNA ハイブリッドの RNA 鎖のみを特異的にエンド型で切断するという基質特異性を有する加水分解酵素であって、生成したオリゴマーが 5' 末端にリン酸基を、3' 末端に水酸基を有するように切断するものをいう。

【0021】

本発明において、ポリペプチドが耐熱性の RNase H 活性を有するとは、特に限定するものではないが、70℃以上の温度で 15 分間保持した後においても RNase H 活性を有することを意味する。

【0022】

耐熱性RNaseH活性は、例えば、次のようにして測定することができる。

ポリ(rA)及びポリ(dT) (ともにアマシャム ファルマシア バイオテク製) 1mgをそれぞれ1mM EDTAを含む40mMトリス-HCl (pH 7.7) 1mlに溶解し、ポリ(rA)溶液及びポリ(dT)溶液を調製する。

【0023】

次に、4mM MgCl₂、1mM DTT、0.003%BSA、4%グリセロールを含む40mMトリス-HCl (pH 7.7) に、終濃度20 µg/mlとなるようにポリ(rA)溶液を、終濃度30 µg/mlとなるようにポリ(dT)溶液を加え、37℃で10分間反応後、4℃に冷却し、ポリ(rA)ーポリ(dT)溶液を調製する。

【0024】

このポリ(rA)ーポリ(dT)溶液100 µlに酵素液1 µlを加え、40℃で10分間反応させ、0.5M EDTA 10 µlを加えて反応を停止させた後、260 nmの吸光度を測定する。対照として、上記反応液に0.5M EDTA 10 µlを加えた後、40℃で10分間反応させ、吸光度を測定する。その後、EDTA非添加で反応させ求めた吸光度から対照の吸光度を引いた値(吸光度差)を求めることにより、酵素反応によってポリ(rA)ーポリ(dT)ハイブリッドから遊離したヌクレオチドの濃度を吸光度差から求め、本発明の耐熱性RNaseH活性を測定することができる。

【0025】

また、活性測定しようとする酵素液1 µlに40℃であらかじめインキュベーションした反応液〔20mMヘプスー水酸化カリウム(pH 8.5)、0.01%牛血清アルブミン(タカラバイオ社製)、1%ジメチルスルホキシド、4mM酢酸マグネシウム、20 µg/mlポリ(dT) (アマシャム ファルマシア バイオテク社製)、30 µg/mlポリ(rA) (アマシャム ファルマシア バイオテク社製)〕100 µlを添加し、40℃で10分間反応させた後、0.5M EDTA (pH 8.0) 10 µlで反応を停止し、260 nmの吸光度を測定することにより、本発明の耐熱性RNaseH活性を測定することもできる。

【0026】

RNase Hの1単位（ユニット）は、1 nmolのリボヌクレオチドが遊離したのに相当するA₂₆₀を10分間に増加させる酵素量とし、下記の式に従って算出することができる。

$$\text{単位 (unit)} = [\text{吸光度差} \times \text{反応液量 (ml)}] / 0.0152$$

【0027】

本発明のポリペプチドとしては、配列表の配列番号1に示されるアミノ酸配列を有するポリペプチドが例示される。また、本発明は耐熱性RNase H活性を示す限りにおいて、配列表の配列番号1に示されるアミノ酸配列に1個以上のアミノ酸残基の欠失、付加、挿入もしくは置換の少なくとも1つがなされたアミノ酸配列で示されるポリペプチドを包含する。

【0028】

すなわち、天然に存在するポリペプチドにはそれをコードするDNAの多型や変異の他、生成後のポリペプチドの生体内および精製中の修飾反応などによってそのアミノ酸配列中にアミノ酸の欠失、挿入、付加、置換等の変異が起こりうる。しかし、このような変異が該ポリペプチドの活性や構造の保持に関して重要でない部分に存在する場合には、変異を有しないポリペプチドと実質的に同等の生理、生物学的活性を示すものがあることが知られている。

【0029】

人為的にポリペプチドのアミノ酸配列に上記のような変異を導入した場合も同様であり、この場合にはさらに多種多様の変異体を作製することが可能である。例えば、ヒトインターロイキン2（IL-2）のアミノ酸配列中のあるシステイン残基をセリンに置換したポリペプチドがインターロイキン2活性を保持することが知られている〔サイエンス（Science）、第224巻、1431頁（1984）〕。

【0030】

また、ある種のポリペプチドは、活性には必須でないペプチド領域を有していることが知られている。例えば、細胞外に分泌されるポリペプチドに存在するシ

グナルペプチド、プロテアーゼの前駆体等に見られるプロ配列あるいはプレ・プロ配列などがこれにあたり、これらの領域のほとんどは翻訳後、あるいは活性型ポリペプチドへの転換に際して除去される。このようなポリペプチドは一次構造上は異なった形で存在しているが、最終的には同等の機能を発現するポリペプチドである。

【0031】

本発明により単離された、配列表の配列番号2に示される塩基配列の遺伝子には、配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列を持つポリペプチドがコードされており、該ポリペプチドは耐熱性RNaseH活性を有している。そこから、活性には必須でないペプチド領域が削除されたポリペプチドも、本願のポリペプチドに含まれる。

【0032】

遺伝子工学的にポリペプチドの生産を行う場合には、目的のポリペプチドのアミノ末端、あるいはカルボキシル末端に該ポリペプチドの活性とは無関係のペプチド鎖が付加されることがある。例えば、目的のポリペプチドの発現量を上げるために、使用される宿主中で高発現されているポリペプチドのアミノ末端領域の一部を目的のポリペプチドのアミノ末端に付加した融合ポリペプチドが作製されることがある。あるいは、発現されたポリペプチドの精製を容易にするために、特定の物質に親和性を有するペプチドを目的のポリペプチドのアミノ末端またはカルボキシル末端に付加することも行われている。これらの付加されたペプチドは目的ポリペプチドの活性に悪影響をおよぼさない場合には付加されたままであってもよく、また、必要であれば適当な処理、例えば、プロテアーゼによる限定分解などによって目的ポリペプチドから除去できるようにすることもできる。

【0033】

従って、本発明によって開示されたアミノ酸配列（配列番号1）に1個以上のアミノ酸残基の欠失、挿入、付加又は置換が生じたアミノ酸配列によって示されるポリペプチドであっても、耐熱性RNaseH活性を有していれば本発明の範囲内に属するものである。

【0034】

また、本発明によって開示されたアミノ酸配列（配列番号1）に少なくとも54%、好ましくは60%、さらに好ましくは70%の相同性を有するアミノ酸配列を有するポリペプチドは、耐熱性RNaseH活性を有していれば本発明の範囲内に属するものである。

【0035】

上記相同性は、例えばコンピュータープログラムDNASIS-Mac（タカラバイオ社製）、コンピューターアルゴリズムFASTA（バージョン3.0；パーソン（Pearson, W. R.）ら、Pro. Natl. Acad. Sci., 85:2444-2448, 1988）、コンピューターアルゴリズムBLAST（バージョン2.0；Altschulら、Nucleic Acids Res. 25:3389-3402, 1997）によって測定することができる。

【0036】

例えば、上記アミノ酸配列の相同性が、アルカエオグロバス プロファンダス（*Archaeoglobus profundus*）由来リボヌクレアーゼH（配列表の配列番号1）と少なくとも54%であるアミノ酸配列を有するポリペプチドは、耐熱性RNaseH活性を有していれば本発明の範囲内に属するものである。

【0037】

本発明のポリペプチドは、例えば、（1）本発明のポリペプチドを生産する微生物の培養物からの精製、（2）本発明のポリペプチドをコードする核酸を含有する形質転換体の培養物からの精製、等の方法により製造することができる。

【0038】

（1）本発明のポリペプチドを生産する微生物の培養物からの精製

本発明のポリペプチドを生産する微生物としては、例えば、ドイッチェ・ザムリンク・フォン・ミクロオルガニズメン・ウント・ツェルクルツレンGmbH（Deutsche Sammlung von Mikroorganismen und Zellkulturen GmbH）より購入可能なアルカエオグロバス プロファンダス（*Archaeoglobus profundus*、DSM5631）等が挙げられる。微生物の培養は、その微生物の生育に適した条件で行えばよく、好ましくは、目的のポリペプチドの発現量が高くなるような培養条件が用いられる。かくして菌体あるいは培養液中に生産された目的のポリペプチドは、通常のタンパク質の精製に用いられる方法によっ

て精製することができる。

【0039】

上記菌株の培養にあたっては、通常、耐熱菌の培養に用いられる方法が利用でき、培地に加える栄養源は該菌株が利用しうるものであればよい。炭素源としては、例えば、デンプン等が利用でき、窒素源としては、例えば、トリプトン、ペプトン、酵母エキス等が利用できる。培地中には、マグネシウム塩、ナトリウム塩、鉄塩等の金属塩を微量元素として加えてもよい。また、例えば、海洋性の耐熱菌の場合、培地の調製に人工海水を用いることが有利である。

【0040】

培養は静置培養又は攪拌培養で行なうことができるが、例えば、アプライド アンド エンバイロンメンタル マイクロバイオロジー (Applied and Environmental Microbiology)、第55巻、第2086-2088頁(1992)に記載のように、透析培養法を用いてもよい。培養条件や培養時間は、使用する菌株、培地組成に応じ、ポリペプチドの生産量が最大になるように設定するのが好ましい。

【0041】

ポリペプチドを採取するにあたっては、まず、無細胞抽出液を調製する。無細胞抽出液は、例えば、培養液から遠心分離、ろ過などによって菌体を集め、ついで菌体を破碎することにより調製できる。菌体の破碎方法としては、超音波破碎、ビーズ破碎、溶菌酵素処理等のうちから目的酵素の抽出効果の高い方法を選べばよい。また、培養液上清中に該ポリペプチドが分泌されている場合には、硫酸塩析法や限外濾過法等によって培養液上清中のポリペプチドを濃縮し、これを無細胞抽出液とする。かくして得られた無細胞抽出液からポリペプチドを単離するにあたっては、通常のタンパク質の精製に用いられる方法を使用できる。例えば、硫酸塩析処理、イオン交換クロマトグラフィー、疎水クロマトグラフィー、ゲル濾過クロマトグラフィー等の方法を組み合わせて使用できる。

【0042】

(2) 本発明のポリペプチドをコードする核酸を含む組換えDNAにより形質転換された形質転換体の培養物からの精製

本発明のポリペプチドをコードする核酸、例えば配列表の配列番号 2 に示される塩基配列を有する核酸を含む組換え DNA で形質転換された形質転換体より、本発明のポリペプチドを取得することができる。配列番号 2 に示される塩基配列からは配列番号 1 に示されるアミノ酸配列のポリペプチドが生成する。

【0043】

さらに、本発明のプラスミド pA p r 1 0 8 を導入した形質転換体を培養して得られる培養物から本発明のポリペプチドを精製してもよい。

【0044】

形質転換される宿主には特に限定はなく、例えば、大腸菌、枯草菌、酵母、糸状菌、植物、動物、植物培養細胞、動物培養細胞等、組換え DNA の分野で通常使用されている宿主が挙げられる。

【0045】

例えば、本発明のポリペプチドは、lac プロモーターや T7 ファージプロモーターの下流に本発明の核酸を連結したプラスミドを保持する大腸菌を通常の培養条件、例えば、 $100\mu\text{g}/\text{ml}$ のアンピシリンを含む LB 培地（トリプトン $10\text{g}/\text{l}$ 、酵母エキス $5\text{g}/\text{l}$ 、NaCl $5\text{g}/\text{l}$ 、pH 7.2）中、 37°C で対数増殖期まで培養後、 1mM となるようイソプロピルー β -D-チオガラクトピラノシドを添加し、さらに 37°C で培養することにより、培養菌体中にポリペプチドを発現させることができる。

【0046】

培養終了後、遠心分離によって集めた菌体を超音波で破碎し、さらに遠心分離して上清を集め、無細胞抽出液とする。該無細胞抽出液は耐熱性 RNase H 活性を示す。さらにイオン交換クロマトグラフィー、ゲルろ過、疎水クロマトグラフィー、硫酸沈殿等の公知の方法を用いることにより該無細胞抽出液から本発明のポリペプチドを精製することができる。上記の精製過程において得られる部分精製品も、当然ながら RNase H 活性を示す。なお、本発明の核酸を連結したプラスミドを保持する大腸菌で発現される本発明のポリペプチドは耐熱性を有しているため、精製手段として培養菌体及び／又は無細胞抽出液に対して、例えば、 40°C 以上の温度で、約 10 分間の熱処理を行って熱変性して不溶化した宿主

由来のタンパク質を除去してもよい。また、この熱処理の温度や時間は、適宜、最適な温度及び時間を選択すればよい。

【0047】

上記のように本発明のポリペプチドを、当該ポリペプチドをコードする核酸を保持する形質転換体を用いて常温、例えば、37℃で発現させた場合でも、得られた発現産物はその活性、耐熱性などを保持している。すなわち、本発明のポリペプチドは、その本来の生産菌が生育する温度とは離れた温度において発現された場合にも、その固有の高次構造を形成し得る。

【0048】

本発明の核酸は、本発明のポリペプチドをコードする核酸であり、具体的には、配列表の配列番号1に記載のアミノ酸配列、または該配列において1個以上のアミノ酸残基の欠失、付加、挿入もしくは置換の少なくとも1つがなされたアミノ酸配列で示され、かつ、耐熱性RNaseH活性を示すポリペプチドをコードする核酸(1)、配列表の配列番号2に記載の塩基配列で示される核酸(2)、および上記核酸(1)または(2)にストリンジェントな条件下でハイブリダイズ可能であるか、(1)または(2)の塩基配列に少なくとも61%、好ましくは70%、さらに好ましくは80%の相同性を有する塩基配列で、かつ耐熱性RNaseH活性を示すポリペプチドをコードする核酸(3)等である。

【0049】

上記塩基配列の相同性は、コンピュータプログラムDNASIS-Mac、コンピュータアルゴリズムFASTA (バージョン3.0)、BLAST (バージョン2.0) によって測定することができる。

【0050】

本明細書における核酸とは、1本鎖または2本鎖のDNAまたはRNAを意味する。上記核酸(2)がRNAである場合は、例えば配列表の配列番号2に記載の塩基配列においてTをUで置換した塩基配列で示される。

【0051】

本発明の核酸は、例えば、次のようにして得ることができる。

まず、配列表の配列番号2に記載の塩基配列で示される核酸(2)は、本発明

のポリペプチドの説明中に記載した方法で培養したアルカエオグロバス プロファンダス (DSM5631) より常法にしたがってゲノムDNAを調製し、それを用いて作製したDNAライブラリーから単離することができる。またこのゲノムDNAを鋳型としたポリメラーゼ連鎖反応 (PCR) により、配列表の配列番号2に記載の塩基配列で示される核酸を増幅することによっても取得できる。

【0052】

また、本発明により提供される、本発明のポリペプチドをコードする核酸の塩基配列、例えば配列表の配列番号2に記載の塩基配列を基に、本発明のポリペプチドと同様の耐熱性RNaseH活性を有するポリペプチドをコードする核酸を取得することも可能である。すなわち、本発明のポリペプチドをコードする核酸、またはその塩基配列の一部をハイブリダイゼーションのプロープに用いることにより、耐熱性RNaseH活性を有するポリペプチドをコードするDNAを、細胞から抽出したDNA、該DNAを鋳型として得られたPCR産物等からスクリーニングすることができる。あるいは上記の塩基配列から設計されたプライマーを使用したPCR等の遺伝子増幅法を用いることにより、耐熱性RNaseH活性を有するポリペプチドをコードするDNAを増幅することができる。また、耐熱性RNaseH活性を有するポリペプチドをコードするDNAを化学的に合成することも可能である。かかる方法により、上記核酸(1)または(3)を得ることができる。

【0053】

上記の方法では目的の核酸の一部のみを含む核酸断片が得られることがあるが、その際には得られた核酸断片の塩基配列を調べて、それが目的の核酸の一部であることを確かめた上、該核酸断片、あるいはその一部をプロープとしてハイブリダイゼーションを行うか、または該核酸断片の塩基配列に基づいて合成されたプライマーを用いてPCRを行うことにより、目的の核酸全体を取得することができる。

【0054】

上記の「ストリンジェントな条件下でハイブリダイズする」とは、1989年、コールド スプリング ハーバー ラボラトリー発行、T. マニアティス (T.

Maniatis)ら編集、モレキュラー クローニング: ア ラボラトリー マニュアル第2版 (Molecular Cloning: A Laboratory Manual 2nd ed.)等に記載された条件でハイブリダイズ可能なことを意味し、例えば、以下の条件でハイブリダイズ可能なことをいう。すなわち、核酸を固定したメンブレンを0.5% SDS、0.1%ウシ血清アルブミン (BSA)、0.1%ポリビニルピロリドン、0.1%フィコール400、0.01%変性サケ精子核酸を含む6×SSC (1×SSCは0.15M NaCl、0.015Mクエン酸ナトリウム、pH7.0を示す)中で、50℃にて12~20時間、プローブとともにインキュベートする。インキュベーション終了後、0.5% SDSを含む2×SSC中、37℃での洗浄から始めて、SSC濃度は0.1倍までの範囲で、また、温度は50℃までの範囲で変化させ、固定された核酸由来のシグナルがバックグラウンドと区別できるようになるまでメンブレンを洗浄したうえ、プローブの検出を行う。また、こうして得られた新たな核酸について、そこにコードされているタンパクの有する活性を上記同様の方法によって調べることにより、得られた核酸が目的とするものであるかどうかを確認することができる。

【0055】

また、オリゴヌクレオチドプローブを使用する場合、前記「ストリンジェントな条件」としては、特に限定されないが、例えば、6×SSC、0.5% SDS、5×デンハルト、0.01%変性サケ精子核酸を含む溶液中、 $[T_m - 25^{\circ}\text{C}]$ の温度で一晩保温する条件などをいう。

【0056】

オリゴヌクレオチドプローブまたはプライマーの T_m は、例えば、下記の式により求められる。

$$T_m = 81.5 - 16.6 (\log_{10} [\text{Na}^+]) + 0.41 (\%G + C) - (600/N)$$

(式中、Nはオリゴヌクレオチドプローブまたはプライマーの鎖長であり、%G+Cはオリゴヌクレオチドプローブまたはプライマー中のグアニンおよびシトシン残基の含有量である。)

【0057】

また、オリゴヌクレオチドプローブまたはプライマーの鎖長が18塩基より短い場合、 T_m は、例えば、 $A+T$ （アデニン+チミン）残基の含有量と 2°C との積と、 $G+C$ 残基の含有量と 4°C との積との和 $[(A+T) \times 2 + (G+C) \times 4]$ により推定することができる。

【0058】

本発明においては、本発明のポリペプチドをコードする核酸にストリンジェントな条件下でハイブリダイズ可能な核酸は、本明細書に開示された塩基配列と同一の塩基配列ではなくとも、それが耐熱性RNaseH活性を示すポリペプチドをコードする限り本発明の範囲に含まれるものであることは上記したとおりである。

【0059】

すなわち、遺伝子上でアミノ酸を指定するコドン（3つの塩基の組み合わせ）はアミノ酸の種類ごとに1～6種類ずつが存在することが知られている。したがって、あるアミノ酸配列をコードする核酸はそのアミノ酸配列にもよるが多数存在することができる。核酸は自然界において決して安定に存在しているものではなく、その塩基配列に変異が起こることはまれではない。核酸上に起こった変異がそこにコードされるアミノ酸配列には変化を与えない場合（サイレント変異と呼ばれる）もあり、この場合には同じアミノ酸配列をコードする異なる核酸が生じたといえる。したがって、ある特定のアミノ酸配列をコードする核酸が単離されても、それを含有する生物が継代されていくうちに同じアミノ酸配列をコードする多種類の核酸ができていく可能性は否定できない。さらに同じアミノ酸配列をコードする多種類の核酸を人為的に作製することは種々の遺伝子工学的手法を用いれば困難なことではない。

【0060】

例えば、遺伝子工学的なタンパク質の生産において、目的のタンパク質をコードする本来の核酸上で使用されているコドンが宿主中では使用頻度の低いものであった場合には、タンパク質の発現量が低いことがある。このような場合にはコードされているアミノ酸配列に変化を与えることなく、コドンをも宿主で繁用されているものに人為的に変換することにより、目的タンパク質の高発現を図ること

が行われている（例えば、特公平7-102146号公報）。このように特定の
アミノ酸配列をコードする多種類の核酸は人為的に作製可能なことは言うまでも
なく、自然界においても生成されうるものである。

【0061】

本発明のポリペプチドをコードする核酸、例えば、配列表の配列番号2記載の
塩基配列を有する核酸を適当なベクターに連結して組換えDNAを作成すること
ができる。該組換えDNAの作成に使用されるベクターには特に限定はなく、例
えば、プラスミドベクター、ファージベクター、ウイルスベクター等を使用する
ことができ、組換えDNAの使用目的に応じて適当なベクターを選択すれば良い
。

【0062】

さらに、当該組換えDNAを適当な宿主に導入して形質転換体を作成すること
ができる。形質転換体の作成に使用される宿主にも特に限定はなく、細菌、酵母
、糸状菌等の微生物の他、動物、植物、昆虫等の培養細胞等を使用することがで
きる。当該形質転換体を培養して培養物中に本発明のポリペプチドを産生させる
ことにより、本発明のポリペプチドを大量に製造することが可能となる。

【0063】

(3) 本発明のポリペプチド

上述のようにして得られた本発明のポリペプチドは、例えば国際公開第00/
56877号パンフレット、国際公開第02/16639号パンフレットに記載
の核酸増幅方法に利用することができる。さらに、従来知られているRNase
Hには、DNA-RNA-DNAのようなキメラ核酸において、RNAの長さによ
ってそのRNaseH活性が低下するものもあるが、本発明のポリペプチドは
RNAの長さによる影響を受けない。また、95℃15分の処理を行っても、そ
のRNaseH活性を保持し得るという特徴を有し、多様な用途に使用すること
ができる。

【0064】

【実施例】

以下、本発明を実施例により具体的に説明するが、本発明の範囲はこれら実施

例に限定されるものではない。

【0065】

実施例 1

アルカエオグロバス プロファンダス RNase H 遺伝子のクローニング

(1) アルカエオグロバス プロファンダス ゲノム DNA の調製

アルカエオグロバス プロファンダス (Archaeoglobus profundus、ドイツ ゼムルンク フォン ミクロオルガニズメン ウント ツェルクルツレン GmbH より購入: DSM 5631) 10 ml 相当分の菌体を集め、100 μ l の 20% ショ糖、50 mM トリス-HCl (pH 8.0) に懸濁し、20 μ l の 0.5M EDTA、10 μ l の 10 mg/ml 塩化リゾチーム (ナカライテスク社製) 水溶液を加えて、20℃で2時間反応させた。反応終了後、この反応液に800 μ l の 150 mM NaCl、1 mM EDTA、20 mM トリス-HCl (pH 8.0)、10 μ l の 20 mg/ml プロテイナーゼ K (タカラバイオ社製) 及び 50 μ l の 10% ラウリル硫酸ナトリウム水溶液を加え、37℃で1時間保温した。反応終了後、フェノールクロロホルム抽出、エタノール沈殿、風乾した後に 50 μ l の TE に溶解してゲノム DNA 溶液を得た。

【0066】

(2) RNase H 遺伝子中央部のクローニング

様々な耐熱性 RNase H のアミノ酸配列の間で保存されている部分をもとにしてオリゴヌクレオチド RN-F1 (配列番号 3) とオリゴヌクレオチド RN-R2 (配列番号 4) を合成した。

【0067】

上記実施例 1-(1) で調製したアルカエオグロバス プロファンダス ゲノム DNA 溶液 5 μ l を鋳型にして、100 pmol の RN-F1 及び 100 pmol の RN-R2 をプライマーに用い、100 μ l の容量で PCR を行った。PCR での DNA ポリメラーゼはタカラタック (タカラバイオ社製) を添付のプロトコールに従って用い、PCR は 94℃で30秒、45℃で30秒、72℃で1分を1サイクルとして、50 サイクル行った。反応終了後、マイクロコンー 100 (タカラバイオ社製) で、プライマーを除去すると同時に濃縮し、約 0.5 k

b の DNA 断片 A p r F 1 R 2 を得た。

【0068】

(3) R N a s e H 遺伝子上流および下流部分のクローニング

上記実施例 1 - (2) で得た約 0.5 kb の断片 A p r F 1 R 2 の塩基配列を決定し、それをもとに上流をクローニングするための特異的なオリゴヌクレオチド A p r R N - 1 (配列番号 5) と下流をクローニングするための特異的なオリゴヌクレオチド A p r . R N - 2 (配列番号 6) を合成した。さらに、表 1 に示す 48 種類のプライマーを合成した。表 1 中のタグ配列を配列表の配列番号 7 に示す。

【0069】

【表 1】

5' - タグ配列 - NN - SSSSSSSS - 3'

(N ; G、A、T、C のミックス、S は下記に示す塩基配列である。)

番号	塩基配列	番号	塩基配列	番号	塩基配列
1	ggagcag	19	gtaacgg	37	gcgcaag
2	ggcaaag	20	gtaagcg	38	gcgcttg
3	ggcaacg	21	gtacacg	39	gcggacg
4	ggcacag	22	gtagacg	40	gcgtaag
5	ggcattg	23	gtagcgg	41	gctacgg
6	ggccaag	24	gtcaacg	42	gctcacg
7	ggccttg	25	gcaccag	43	gctccag
8	ggctaag	26	gcagacg	44	gcttgcg
9	ggctacg	27	gcagcag	45	gcttggg
10	ggctcag	28	gcatggg	46	ggacacg
11	ggctttg	29	gccaaag	47	ggaccag
12	gggacag	30	gccacag	48	ggagacg
13	gggcaag	31	gccattg		
14	gggcttg	32	gccaag		
15	gggtacg	33	gcccttg		
16	ggtaacg	34	gcctacg		
17	ggtacgg	35	gcctcag		
18	ggtagcg	36	gcctttg		

【0070】

実施例 1 - (1) で調製したアルカエオグロバス プロファンダス ゲノム DNA 溶液 1 μ l を鋳型にして 20 pmol の Apr RN-1 または 20 pmol の Apr RN-2 と、各 20 pmol の表 1 記載の 48 種類のプライマーとの組み合わせで 20 mM トリス酢酸 (pH 8.5)、50 mM 酢酸カリウム、3 m

M酢酸マグネシウム、0.01% BSA、各30 μ M dNTP混合物、2.5単位のタカラEx Taq DNAポリメラーゼ（タカラバイオ社製）を含む反応液中でPCRをおこなった。PCRは94℃で3分インキュベートした後、98℃で10秒、50℃で10秒、72℃で40秒を1サイクルとし、40サイクル行った。得られたPCR産物の一部をアガロース電気泳動し、シングルバンドになったものを選び出し、それらの反応液をマイクロコンー100（タカラバイオ社製）で、プライマーを除去すると同時に濃縮し、ダイレクトシーケンスをおこない、RNase Hの上流または下流を含む断片をスクリーニングした。その結果、約600 bpのPCR増幅断片Apr-1A5にRNase H遺伝子の上流が、約500 bpのPCR増幅断片Apr-2D9に下流が含まれていることがわかった。

【0071】

(4) RNase H遺伝子全域のクローニング

上記塩基配列をもとにプライマーAprNde（配列番号8）及びAprBam（配列番号9）を合成した。

【0072】

実施例1-(1)で得たサーモコッカス プロファンダス ゲノムDNA溶液1 μ lを鋳型にして、20 pmolのAprNde及び20 pmolのAprBamをプライマーに用い、100 μ lの容量でPCRを行なった。PCRでのDNAポリメラーゼはEx Taq DNAポリメラーゼ（タカラバイオ社製）を添付のプロトコールに従って用い、PCRは94℃で30秒、55℃で30秒、72℃で1分を1サイクルとし、40サイクル行った。増幅した約0.7 kbのDNA断片をNde I及びBamH I（ともにタカラバイオ社製）で消化し、得られたDNA断片をプラスミドベクターpTV119Nd（pTV119NのNco IサイトをNde Iサイトに変換したもの）またはpET3a（ノバジェン社製）のNde I及びBamH I間に組込み、プラスミドpAPR111NdおよびpApr108を作製した。

【0073】

(5) RNase H遺伝子を含むDNA断片の塩基配列の決定

実施例1-(4)で得られたpAPR111NdおよびpApr108の挿入DNA断片の塩基配列をジデオキシ法によって決定した。

得られた塩基配列の結果を解析したところ、RNaseHをコードすると考えられるオープンリーディングフレームが見出された。pApr108のオープンリーディングフレームの塩基配列を配列表の配列番号2に示す。また、該塩基配列から推定されるRNaseHのアミノ酸配列を配列表の配列番号1に示す。PCR断片AprF1R2は配列番号2の11~449番塩基、Apr-1A5は59番塩基より5'末端側、Apr-2D9は373番塩基より3'末端側に相当した。なお、プラスミドpApr108で形質転換された大腸菌HMS174 DE3は、*Escherichia coli* HMS174/pApr108と命名、表示され、平成14年8月20日(原寄託日)より日本国〒305-8566茨城県つくば市東1丁目1番地1中央第6、独立行政法人産業技術総合研究所特許生物寄託センターに受託番号FERM P-18981として寄託されている。

【0074】

(6) アルカエオグロバス・プロファンダス RNaseH遺伝子の発現

pAPR111Ndで形質転換された大腸菌JM109を100 μ g/mlのアンピシリンおよび1mM IPTGを含む10mlのLB培地に植菌し、37℃で1晩振盪培養した。培養終了後、遠心分離によって集めた菌体を176.3 μ lのバッファー(20mM トリス-HCl (pH8.0)、1mM EDTA)に懸濁し、超音波破碎機にかけた。この破碎液を12000rpmで10分間の遠心分離を行い、得られた上清を70℃、10分間の熱処理にかけた。その後、再度12000rpmで10分の遠心分離を行い、上清を集め、熱処理上清液を得た。同様にpApr108で形質転換された大腸菌HMS174(DE3)を100 μ g/mlのアンピシリンを含む10mlのLB培地に植菌し、37℃で1晩振盪培養し、培養終了後、遠心分離によって集めた菌体を上記の方法で処理し、Apr RNaseH熱処理上清液を得た。

【0075】

上記で得られた熱処理上清液を用いて、以下の方法により酵素活性を測定した

。

ポリ (r A) 及びポリ (d T) (ともにアマシヤム ファルマシア バイオテク製) 1mg をそれぞれ 1mM EDTA を含む 40mM トリス-HCl (pH 7.7) 1ml に溶解し、ポリ (r A) 溶液及びポリ (d T) 溶液を調製した。

次に、4mM MgCl₂、0.1% DMSO、0.01% BSA を含む 20mM ヘプス-KOH (pH 7.8) に、終濃度 20 µg/ml となるようポリ (r A) 溶液を、終濃度 30 µg/ml となるようポリ (d T) 溶液を加え、40℃で10分間反応後、4℃に冷却し、ポリ (r A) -ポリ (d T) 溶液を調製した。

【0076】

ポリ (r A) -ポリ (d T) 溶液 100 µl に Apr RNase H 熱処理上清液 1 µl を加え、40℃で10分間反応させ、0.5M EDTA 10 µl を加えて反応を停止させた後、260nmの吸光度を測定した。対照として、上記反応液に 0.5M EDTA 10 µl を加えた後、40℃で10分間反応させ、吸光度を測定した。その後、EDTA非存在下で反応させ求めた吸光度から対照の吸光度を引いた値 (吸光度差) を求めた。すなわち、酵素反応によってポリ (r A) -ポリ (d T) ハイブリッドから遊離したヌクレオチドの濃度を吸光度差から求めた。RNase Hの1単位は、1nmolのリボヌクレオチドが遊離したのに相当する A₂₆₀ を10分間に増加させる酵素量とし、下記の式に従って算出した。なお、酵素液を希釈した場合は、下記式の値を希釈率で補正した。

$$\text{単位 (unit)} = [\text{吸光度差} \times \text{反応液量 (ml)}] / 0.0152$$

その結果、Apr RNase H 熱処理上清液に RNase H 活性が認められた。

。

【0077】

(7) 精製 RNase H 標品の調製

実施例 1-(4) で得られた pApr 108 で大腸菌 BL21 (DE3) を形質転換し、得られた pApr 108 を含む大腸菌 BL21 (DE3) を 100 µg/ml のアンピシリンを含む 400ml の LB 培地に植菌し、37℃で17時間振盪培養した。培養終了後、遠心分離によって集めた菌体を 500ml のバッ

ファーA〔20mM トリス-HCl (pH 8.0)、1mM EDTA、2mMフェニルメタンスルホニルフルオライド、10mM 2-メルカプトエタノール〕に懸濁し、超音波破碎機にかけた。この破碎液を14000rpmで30分間の遠心分離を行い、得られた上清を70℃、15分間の熱処理にかけた。その後、再度14000rpmで30分の遠心分離を行い、上清を集め、400mlの熱処理上清液を得た。

【0078】

この熱処理上清液をバッファーAで平衡化したDE52陰イオン交換カラム(Whatman社製)に供し、バッファーAで洗浄した。その結果、RNase HはDE52カラムを素通りした。

【0079】

DE52カラムを素通りした蛋白溶液を、バッファーB〔20mM トリス-HCl (pH 7.0)、1mM EDTA、100mM NaCl、10mM 2-メルカプトエタノール〕で平衡化したP-II陽イオン交換カラム(Whatman社製)に供し、100mM~1000mM NaCl直線濃度勾配により溶出した。その結果、約500mM NaClのところに溶出されたRNase H画分を得た。

【0080】

このRNase H画分150mlをPEG (ポリエチレングリコール) 20000で50mlに濃縮した。これに150mMのバッファーC〔20mM トリス-HCl (pH 7.0)、1mM EDTA、10mM 2-メルカプトエタノール〕を加え、バッファーBで平衡化したHeparin-Sepharose OL-6Bヘパリンアフィニティカラム(Amarsham BioSciences社製)に供し、100mM~500mM NaCl直線濃度勾配により溶出した。その結果、約250mM NaClのところに溶出されたRNase H画分を得た。

【0081】

このRNase H画分130mlを、PEG20000によって10mlに濃縮した後、バッファーD〔20mM トリス-HCl (pH 7.0)、0.5m

M EDTA、200mM NaCl、10mM 2-メルカプトエタノール}で平衡化したHi Load 26/60 Superdex G200 HRゲル濾過カラム (Amersham BioSciences社製) に供し、バッファードで溶出を行った結果、25mlのRNase H画分を得た。

【0082】

このRNase H画分25mlに35mlのバッファーCを加え、バッファーBで平衡化したSP-Sepharose FF陽イオン交換カラム (Amersham BioSciences社製) に供し、100mM~500mM NaCl直線濃度勾配により溶出した。その結果、約250mM NaClのところに溶出されたRNase H画分50mlを得た。

【0083】

このRNase H画分50mlを、Ultrafree-4 BIOMAX-5K (Millipore社製) を用いて11mlに遠心濃縮した。この濃縮液11mlを形状バッファー [25mM トリス-HCl (pH7.0)、0.5mM EDTA、30mM NaCl、5mM 2-メルカプトエタノール、50% グリセロール] に対して透析し、4.5mlのRNase H溶液を得た。

【0084】

こうして得られたRNase HをApr RNase H標品とした。

【0085】

上記で得られたApr RNase H標品を用いて、実施例1-(6)に記載の方法により酵素活性を測定した結果、Apr RNase H標品にRNase H活性が認められた。

【0086】

実施例2 ホモロジー検索

実施例1において得られたアルカエオグロバス プロファンダス (APR) のアミノ酸配列と塩基配列について、ホモロジー検索を行なった。相同性は検索プログラムとして、コンピュータアルゴリズムFASTA (バージョン3.2; パーソン (Pearson, W. R.) ら、Pro. Natl. Acad. Sci., 85:2444-2448, 1988) で算出した。

【0087】

コンピュータアルゴリズムFASTAで遺伝子データベースをAPRに関して検索した。その結果、Aprのアミノ酸配列、塩基配列に対して、リボヌクレアーゼであると推定されているアミノ酸配列、塩基配列で最も相同性の高かったものは、それぞれ53%、60%の相同性を有していた。

【0088】

実施例3 RNase Hの耐熱性の検討

アルカエオグロバス プロファンダス RNase Hとして実施例1-(6)で得られたpApr108で形質転換された大腸菌を用いて耐熱性を調べた。すなわち、上記大腸菌を培養し、培養液から調製した素酵素抽出液を95℃、15分の条件で熱処理を行ない、実施例1-(6)と同様の方法でRNase H活性を調べた。その結果、アルカエオグロバス プロファンダス由来のRNase HにおいてRNase H活性が確認できた。

【0089】

実施例4 Apr由来RNase Hを用いたICAN systemによるHBV検出の検討

配列表の配列番号10に記載のHBV Xプロテイン遺伝子の一部である560bpをPCR反応にて増幅し、その断片をTAクローニングによりpT7Blue Tベクターに挿入した。これをHBV陽性コントロールプラスミドとした。

【0090】

反応組成は最終濃度32mMヘプスー水酸化カリウムバッファー(pH7.8)、100mM酢酸カリウム、1%DMSO、0.01%BSA、4mM酢酸マグネシウム、各500μMdNTP混合物、2単位BcaBEST DNAポリメラーゼ、および、配列表の配列番号11、12に記載の塩基配列を有するHBVF-2プライマーとHBVR-1プライマーを各々50pmol、HBV陽性コントロール10³コピー、および、Apr由来RNase H、1.625単位 または、3.25単位 または、6.5単位 または、13単位を添加して最終容量を25μlにした。該反応液は予め55℃に設定したサーマルサイクラー

にセットし、60分間保持した。

【0091】

反応終了後、該反応液 3 μ l を 3.0% アガロースゲル電気泳動に供した。その結果、いずれの RNase H 量においても目的の増幅断片 76 bp が確認できた。

【0092】

【発明の効果】

本発明により、遺伝子工学において利用価値の高い RNase H 活性を有するポリペプチド、該ポリペプチドをコードする遺伝子ならびに該ポリペプチドの遺伝子工学的製造方法を提供される。また、本発明の RNase H は耐熱性を有しており、工業的に有利な RNase H の製造方法も提供される。

本発明によって、さまざまな用途で本発明の RNase H を用いることが可能となった。

【0093】

【配列表フリーテキスト】

SEQ ID NO:3: PCR primer RN-F1 for cloning a gene encoding a polypeptide having a RNaseH activity from *Archaeoglobus profundus*

SEQ ID NO:4: PCR primer RN-R2 for cloning a gene encoding a polypeptide having a RNaseH activity from *Archaeoglobus profundus*

SEQ ID NO:5: PCR primer AprRN-1 for cloning a gene encoding a polypeptide having a RNaseH activity from *Archaeoglobus profundus*

SEQ ID NO:6: PCR primer AprRN-2 for cloning a gene encoding a polypeptide having a RNaseH activity from *Archaeoglobus profundus*

SEQ ID NO:7: Tag sequence

SEQ ID NO:8: PCR primer AprNde for amplifying a gene encoding a polypeptide having a RNaseH activity from *Archaeoglobus profundus*

SEQ ID NO:9: PCR primer AprBam for amplifying a gene encoding a polypeptide having a RNaseHIII activity from *Archaeoglobus profundus*

SEQ ID NO:11: Chimeric oligonucleotide primer to amplify a portion of

Hepatitis B virus X protein. "nucleotides 18 to 20 are ribonucleotides-
ther nucleotides are deoxyribonucleotides"

SEQ ID NO:12: Chimeric oligonucleotide primer to amplify a portion of
Hepatitis B virus X protein. "nucleotides 20 to 22 are ribonucleotides-
ther nucleotides are deoxyribonucleotides"

【 0 0 9 4 】

【配列表】

SEQUENCE LISTING

<110> TAKARA BIO INC.

<120> Thermostable RNase H

<130> T-1789

<160> 12

<210> 1

<211> 211

<212> PRT

<213> Archaeoglobus profundus

<400> 9

Met	Ile	Ala	Gly	Ile	Asp	Glu	Ala	Gly	Lys	Gly	Pro	Val	Ile	Gly
1				5					10					15
Pro	Leu	Val	Ile	Cys	Gly	Val	Leu	Cys	Asp	Glu	Glu	Thr	Val	Glu
				20					25					30
Tyr	Leu	Lys	Ser	Val	Gly	Val	Lys	Asp	Ser	Lys	Lys	Leu	Asp	Arg
				35					40					45

Arg Lys Arg Glu Glu Leu Tyr Asn Ile Ile Lys Ser Leu Cys Lys		
50	55	60
Val Lys Val Leu Lys Ile Ser Val Glu Asp Leu Asn Arg Leu Met		
65	70	75
Glu Tyr Met Ser Ile Asn Glu Ile Leu Lys Arg Ala Tyr Val Glu		
80	85	90
Ile Ile Arg Ser Leu Met Pro Lys Val Val Tyr Ile Asp Cys Pro		
95	100	105
Asp Ile Asn Val Glu Arg Phe Lys His Glu Ile Glu Glu Arg Thr		
110	115	120
Gly Val Glu Val Phe Ala Ser His Lys Ala Asp Glu Ile Tyr Pro		
125	130	135
Ile Val Ser Ile Ala Ser Ile Val Ala Lys Val Glu Arg Asp Phe		
140	145	150
Glu Ile Asp Lys Leu Lys Lys Ile Tyr Gly Asp Phe Gly Ser Gly		
155	160	165
Tyr Pro Ser Asp Leu Arg Thr Ile Glu Phe Leu Arg Ser Tyr Leu		
170	175	180
Arg Glu His Lys Ser Phe Pro Pro Ile Val Arg Lys Arg Trp Lys		
185	190	195
Thr Leu Lys Arg Leu Thr Thr His Thr Leu Ser Asp Phe Phe Glu		
200	205	210

Val

211

<210> 2

<211> 636

<212> DNA

<213> Archaeoglobus profundus

<400> 2

atgattgctg ggatagacga agctggaaaa ggacctgtaa taggccctct tgtaatatgc 60
ggagtactgt gcgatgaaga gaccgtagaa tacttgaaga gcgtaggcgt taaagattca 120
aagaagctgg ataggaggaa gagagaggaa ctttacaata tcataaaatc gctttgcaag 180
gttaaggtat tgaaaatatc tgtcgaggat ttgaacaggt taatggaata catgagtata 240
aatgaaatct tgaagagagc ttacgttgaa ataataaggt ctttgatgcc taaagttgtg 300
tacatagact gtccagatat taatgtggag agatttaagc acgaaataga ggagagaacg 360
ggagtggagg tatttgcgag ccataaagcg gacgagatat atccaatagt atctatagct 420
tcgatagtcg caaaagttga aagggtttt gaaatagaca agctgaagaa gatttatgga 480
gactttggga gtggatatcc atcagatcta agaaccatcg aatttttaag gagttatcta 540
agggaaacaca aaagttttcc accaatcgta agaaagagat ggaaaactct caaaagattg 600
acaacgcaca cttaagcga tttctttgaa gtttag 636

<210> 3

<211> 23

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer RN-F1 for cloning a gene encoding a polypeptide having
a RNaseH activity from Archaeoglobus profundus

<400> 3

ggcattgatg aggctgggnar rgg

23

<210> 4

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer RN-R2 for cloning a gene encoding a polypeptide having a RNaseH activity from Archaeoglobus profundus

<400> 4

ggtagggaaa gctgraancg

20

<210> 5

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer AprRN-1 for cloning a gene encoding a polypeptide having a RNaseH activity from Archaeoglobus profundus

<400> 5

ctcttcatcg cacagtactc cg

22

<210> 6

<211> 24

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer AprRN-2 for cloning a gene encoding a polypeptide having a RNaseH activity from Archaeoglobus profundus

<400> 6

tttgcgagcc ataaagcgga cg

24

<210> 7

<211> 17

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Tag sequence

<400> 7

ggcacgattc gataacg

17

<210> 8

<211> 39

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer AprNde for amplifying a gene encoding a polypeptide having a RNaseH activity from Archaeoglobus profundus

<400> 8

aatcgatggt gttcatatga ttgctgggat agacgaagc 39

<210> 9

<211> 39

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> PCR primer AprBam for amplifying a gene encoding a polypeptide having a RNaseHIII activity from *Archaeoglobus profundus*

<400> 9

gccacgccc tgggatccct aggctacggg tcctttaag 39

<210> 10

<211> 560

<212> DNA

<213> Hepatitis B virus

<400> 10

ccttcccatg gctgctcggg tgtgctgcca actggatcct gcgcgggacg tcctttgtct 60
acgtcccgtc ggcgctgaat cccgcggacg acccgtctcg gggccgtttg ggcctctacc 120
gtcccttgct ttctctgccg ttccagccga ccacggggcg cacctctctt tacgcggtct 180
ccccgtctgt gccttctcat ctgccggacc gtgtgcactt cgcttcacct ctgcacgtcg 240
catggagacc accgtgaacg gccaccaggt cttgcccag ctcttacata agaggactct 300
tggaactctca gcaatgtcaa caaccgacct tgaggcatac ttcaaagact gtttgtttaa 360
agactgggag gagttggggg aggagattag gttaaaggctc tttgtactag gaggctgtag 420
gcataaattg gtctgttcac cagcaccatg caactttttc acctctgcct aatcatctca 480
tgttcatgtc ctactgttca agcctccaag ctgtgccttg ggtggctttg gggcatggac 540
attgaccctg ataaagaatt

<210> 11

<211> 20

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Chimeric oligonucleotide primer to amplify a portion of Hepatitis B virus X protein. "nucleotides 18 to 20 are ribonucleotides-other nucleotides are deoxyribonucleotides"

<400> 11

ctcttggact ctcagcaaug

20

<210> 12

<211> 22

<212> DNA

<213> Artificial Sequence

<220>

<223> Chimeric oligonucleotide primer to amplify a portion of Hepatitis B virus X protein. "nucleotides 20 to 22 are ribonucleotides-other nucleotides are deoxyribonucleotides"

<400> 12

tcctcccagt ctttaaacam ac

22

【書類名】 要約書

【要約】

【課題】

遺伝子工学において利用価値の高い耐熱性 RNase H 活性を有するポリペプチド、該ポリペプチドをコードする核酸、該核酸を含んでなる組換え DNA、該組換え DNA により形質転換されてなる形質転換体ならびに該ポリペプチドの遺伝子工学的製造方法を提供すること。

【解決手段】

耐熱性 RNase H 活性を有するポリペプチド、該ポリペプチドをコードする核酸、該核酸を含んでなる組換え DNA、該組換え DNA により形質転換されてなる形質転換体ならびに該ポリペプチドの遺伝子工学的製造方法。

【選択図】 なし

特願 2 0 0 2 - 2 5 4 1 5 3

出 願 人 履 歴 情 報

識別番号

[3 0 2 0 1 9 2 4 5]

1. 変更年月日

2 0 0 2 年 4 月 1 日

[変更理由]

新規登録

住 所

滋賀県大津市瀬田三丁目 4 番 1 号

氏 名

タカラバイオ株式会社